植 物 分 类 学 报 31 (5):399—404 (1993)
Acta Phytotaxonomica Sinica

万寿竹六个居群的核型研究

顾志建 王 丽 龚 洵 肖调江

(中国科学院植物研究所系统与进化植物学开放研究实验室，北京 100093
中国科学院昆明植物研究所，昆明 650304*)

A CYTOLOGICAL STUDY OF SIX POPULATIONS OF *DISPORUM CANTONIENSE* (LILIACEAE)

GU ZHI-JIAN WANG LI GONG XUN XIAO TIAO-JIANG

(*Laboratory of Systematic and Evolutionary Botany, and Herbarium, Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing* 100093; *Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Kunming* 650304*)

Abstract *Disporum cantoniense* (Lour.) Merr. is widely distributed in the area from the Himalayas to Indonesia, via south China, Indo-China and Taiwan, especially in the various parts of Yunnan Province. In this paper, the karyotype variation of six populations of the apecies from southeastern, middle and northwestern part of Yunnan are studied. The result shows that the chromosome number of all the populations are 2n=14.

The species was reported to have 2n=16, 30 (Hasegawa 1932, Mehra and Pathamia 1960, Kurosawa 1966, 1971, Tang et al. 1984) and 2n=14 (Kurosawa 1971, Mehra and Sachdeva 1976a). 2n=14, 2n=16 and 2n=32 were observed in the material from Taiwan (Chuang, et al. 1962, Chao, 1963, Hsu, 1971, 1972, Chang, 1974). Based on the cytological study of *D. megalanthum* Wang et Tang and seven other species in this genus reported by other authors, Hong and Zhu (1990) consider that the basic number of this genus is x=8, because species with 2n=16 was more than those with 2n=14, despite some number variation of chromosomes in this genus. Based on the results of the present paper, we consider that x=7 might be one of the basic numbers of this genus.

In the karyotypes studied here, the relative chromosome lengths and the ratio of the longest/the shortest chromosomes of the six populations are rather approximate. Moreover, all the karyotypes belong to Stebbins' 3B type. However, karyotype variation was detected in these populations. The homologues of the

* The present address

1991-10-21 收稿。

2nd, 3rd and 6th pair of chromosomes are different from each other, the numbers and popsition of satellites are found very different, among the populations except for the Lijiang population, the lst, 2nd, 3rd or 4th pair of all the populations exhibited heterozygosity. Although all the karyotypes belong to Stebbins ′3B type, the homologues were more regular in the Lijiang population than in the other populations, and the most irregular in the Wenshan population, because it had four pairs of heterozygous chromosomes.

Key words *Disporum cantoniense* (Lour.) Merr.; population; karyotype variation

摘要 本文研究了在云南境内的万寿竹 *Disporum cantoniense* (Lour.) Merr. 从滇东南经滇中到滇西北不同居群间的核型变异。该种的染色体数目较为稳定，2n=14，没有观察到不同数目的变异。六个居群的不对称性均属于3B型，但各个居群的核型结构表现出一定的差异，核型间随体位置和数目的不同以及同源染色体的杂合性是居群间变异的主要特征，这种种内不同居群间核型的变异或许与该种的地理分布及生境有一定的相关性。

关键词 万寿竹; 居群; 核型变异

万寿竹 *Disporum cantoniense* (Lour.) Merr. 是一个广布种，西起喜马拉雅地区，经我国南部，中南半岛，直至我国台湾省，南达印度尼西亚。在云南省境内各地都有分布。由于该种分布甚广，变异类型较多，因此对该种种内不同居群间的核型变异进行观察研究，以期对种内的分化和变异能得到一点启示。

材 料 和 方 法

本实验的材料采集地点见表1。取新生根尖用0.1%的秋水仙素溶液于室温下处理2小时，3 :1 的95%乙醇 :冰醋酸在4— 5℃ 下固定20分钟，1 :1 的45%乙酸 : 1mol/L盐酸在 60℃ 下解离30秒， 1%的醋酸地衣红染色和压片，核型分析按Levan (1964)的方法，核型分类按Stebbins (1971)的标准，体细胞的间期核和分裂前期染色体的分类按Tanaka (1971, 1977)标准，凭证标本存于昆明植物研究所植物园标本室。

表1 万寿竹六个居群的材料来源

Table 1 The origin of materials (all from Yunnan)

编号 No.	产地 Locality	海拔 Altitute (m)	凭证标本号 Voucher *
A	昆明 (Kunming)	1910	Gongxun－01028
B	富民 (Fuming)	1780	Gongxun－01004
C	嵩明 (Songming)	2300	Gongxun－01095
D	文山 (WenShan)	1200	Lu Yuanxue－89020
E	丽江 (Lijiang)	2630	Gongxun－89231
F	苍山 (Cangshan)	2900	Gongxun－01030

* The vouchers are deposit in the Bot. Gard. Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences

结 果 和 讨 论

这个种的细胞学研究工作较多，从 30 年代至今有许多作者对它的染色体进行了观察，而且大多数作者的材料主要来自喜马拉雅地区，其体细胞染色体数有 2n = 16 (Hasegawa 1932, Mehra and Pathania 1960, Kurosawa 1966, 1971) 和 2n = 14 (Kurosawa 1971, Mehra and Sachdeva 1976a); 1984 年汤彦承采自四川峨眉山的材料 n = 8 (2n = 16); 60 至 70 年代台湾的一些学者报道了分布于台湾的该种染色体数目 2n = 16 和 2n = 32 (Chuang, 1962, Chao, 1963, Hsu, 1971, 1972, Chang, 1974)。2n = 32 是该种 4 倍体(种内多倍体)。从上述的情况可以看出万寿竹主要有两种染色体数目即 2n = 14, 16 (有的学者称为细胞型)。本文所观察的6 个不同产地或居群的材料，其染色体数目均为 2n = 14，而且稳定。洪德元等 (1990) 根据他自己对大花万寿竹 *D. megalanthum* 的研究，结合该属已报道的东亚 7 个种，认为虽然染色体数目有变异，但都有 2n = 16，而且居多数，因此该类群的染色体基数为 x = 8。Kurosawa 研究了分布于缅甸西北部至尼泊尔东部的该种的染色体，其二倍体有 2n = 14, 16, 30，认为该种的原始基数是 x = 8，x = 7 是由 8 演变来的，同时还认为 2n = 30是由 x = 7 和 x = 8 构成的双二倍体。有趣的是 Mehre 等的报道，1960 年他采自喜马拉雅西部地区的该种材料观察结果为 2n = 16，相隔 16 年后，他又在该地区采的材料结果为 2n = 14，同一地区同一种植物其结果前后不一致。1974 年台湾学者张惠珠和许建昌研究 *D. sbiniadi* (*D. sessile* 的异名)时发现在同一根内不同细胞有2n = 14和2n = 16，而且前者为多数，这可能是染色体本身发生结构变异所致。 从我们研究的六个居群来看，其分布较广，但染色体数目较为稳定，虽然以前的作者认为该类群的染色体基数为x = 8，

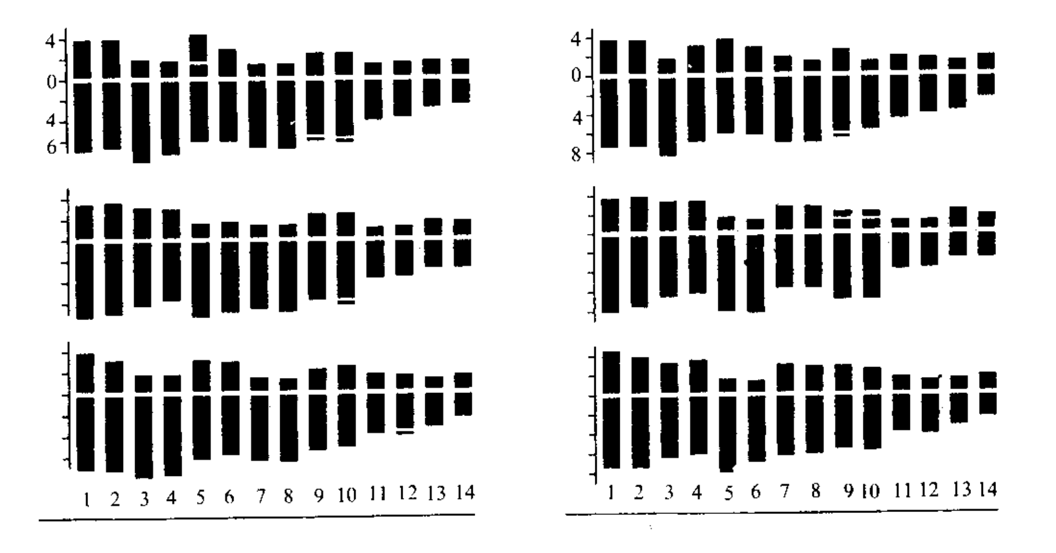


图 1 万寿竹六个居群的核型模式图

Fig.1 Idiograms of six populations in *Disporum cantoniense* (Lour.) Merry

A. Kunming; B. Fuming; C. Songming; D. Wenshan; E. Lijiang; F. Dali.

表2 万寿竹六个居群的染色体参数

Table 2 The parameters of chromosomes in six populations of *Disporum cantoniense* (Lour.) Merry

Chromosome No.	KUNMING 2n=14=1m+8sm (2SAT)+5st			FUMING 2n=14=1m+7sm (1SAT)+6st			SONGMING 2n=14=1m+9sm (1SAT)+4st		
	RL	AR	PC	RL	AR	PC	RL	AR	PC
1	10.06	1.85	sm	10.19	2.17	sm	10.41	1.91	sm
2	9.69	1.77	sm	9.95	2.06	sm	9.67	2.50	sm
3	9.08	4.97	st	8.70	2.14	sm	9.00	5.34	st
4	8.32	4.90	st	8.22	2.01	sm	8.89	5.26	st
5	8.25	2.24	sm*	8.18	5.39	st	8.74	2.12	sm
6	8.17	2.17	sm	7.94	4.51	st	8.11	1.97	sm
7	7.60	5.67	st	7.70	5.87	st	7.21	5.44	st
8	7.29	5.63	st	7.46	5.22	st	7.13	6.67	st
9	7.37	2.29	sm*	7.66	2.34	sm	6.95	2.72	sm
10	7.15	2.36	sm*	7.50	2.39	sm*	6.95	2.20	sm
11	4.90	3.30	st	4.25	4.06	st	5.15	2.37	sm
12	4.67	2.51	sm	4.21	3.58	st	4.40	2.58	sm*
13	3.80	1.77	sm	4.09	1.49	m	3.96	2.77	sm
14	3.65	1.47	m	3.97	1.76	sm	3.43	1.56	m

Chromosome No.	WENSHAN 2n=14=2m+8sm (1SAT)+4st			LIJIANG 2n=14=2m+6sm+6st (2SAT)			DALI 2n=14=2m+9sm+3st		
	RL	AR	PC	RL	AR	PC	RL	AR	PC
1	9.77	2.06	sm	10.42	2.33	sm	10.63	1.68	m
2	9.74	2.08	sm	10.29	2.00	sm	9.96	2.02	sm
3	9.00	5.57	st	8.74	1.97	sm	8.45	1.74	sm
4	6.10	5.35	st	8.53	1.93	sm	8.46	2.13	sm
5	8.56	1.65	m	8.47	5.62	st	8.43	5.80	st
6	7.89	2.29	sm	8.44	6.74	st	7.16	6.62	st
7	7.70	4.46	st	7.35	2.27	sm	8.02	2.20	sm
8	7.37	6.02	st	7.35	2.27	sm	7.85	2.27	sm
9	7.31	2.42	sm*	7.13	6.84	st*	7.30	2.04	sm
10	8.66	2.38	sm	7.10	6.80	st*	7.19	2.34	sm
11	5.37	2.81	sm	4.25	3.67	st	4.66	2.67	sm
12	4.89	2.73	sm	4.16	3.57	st	4.52	3.30	st
13	4.35	2.99	sm	4.13	1.16	m	3.94	2.18	sm
14	3.29	1.33	m	3.65	1.55	m	3.44	1.36	m

RL: relative length; AR: arm ratio; PC: position of centromere

* SAT-chromosome

但我们认为也不能排除 x=7 的染色体基数。同一个类群植物有多个染色体基数的现象也不少，如黄精属植物，还阳参属植物等。x=8 和 x=7 究竟哪个是原始基数，哪个是次基数，也就是说它们当中有一对染色体是经着丝点合并还是横裂，还得进一步进行细胞遗传学的研究。

6个居群的核型公式和参数见表2，模式图见图 1。间期染色体、分裂前期染色体和体细胞中期染色体及核型见图版 1 及图版 2。间期核可以看到染色较深的异染色质颗粒构成不同形状，其形态属于复杂染色中央微粒型，分裂前期染色体呈染色较深的异染色质和染色较浅的常染色质相间排列，属于中间前染色体型(Tanaka，1971，1977)。从不同产地或是居群的核型特征来看，染色体的相对长度范围和最长 / 最短的染色体的数值比较接近，变异范围不大，核型不对称性均为 3B 型。但居群间的核型还是有些不同，第 2、3、6 对染色体有的居群呈 st 型，有的呈 sm 型，这种现象也许是染色体本身发生了结构变异。除此之外，居群间的核型还存在以下变异，主要有：

1. 随体的位置及数目(见图版 2)：除了大理苍山的材料没有观察到具随体染色体外，其余 5 个居群都具有随体染色体。昆明材料除第 5 对的 9及10 号染色体长臂上具随体外，第 3 对的 5 号染色体具中间随体。这种具中间随体染色体一般是由臂内倒位所致，这种结构属于次生的。这一特征在其余居群中没有观察到。富民和文山的材料具随体染色体都在第 5 对上，前者在 9 号上，后者在 10 号染色体的长臂上。蒿明材料却在第 6 对 12 号染色体的长臂上。有趣的是丽江的材料，具随体的染色体在第 5 对的 9及10 号的短臂上，而且随体较大，其长度与短臂相当(原考虑作为次隘痕处理，但经过反复观察大量片子后，有些细胞从隘痕处断裂后，中间有细丝相连，如果次隘痕断裂后一般不会有细丝相连)，第 2 对染色体的长臂上具次缢痕。这表明随体的有无及位置的变异是种内核型中一个较明显的特征。

2. 杂合性：主要指同源染色体发生了臂间倒位或易位，使之两条同源染色体的臂比值明显不一，而且不在同一着丝点范围内。除了丽江材料的核型比较纯合，同源染色体没有较大明显的杂合外，另 5 个居群的材料都有 1 — 3 (4)对同源染色体表现出明显的杂合性，每一核型中的第 7 对同源染色体上都由 sm 和 m 型染色体构成，长度也不一致。除第 7 对同源染色体是杂合外，昆明材料的第 6 对，大理材料的第 1第6 对，文山材料的第 2 、3、5 对同源染色体都表现出杂合性。值得一提的是分布于云南东南部文山的材料，其核型的杂合性较为突出，7 对染色体中有 4 对同源染色体呈杂合性，其中第 2 第5 对同源染色体的杂合性较大，第 2 对的两条同源染色体的相对长度分别 9.00 和 6.10，差值为 2.90，第 5 对两条同源染色体的相对长度为 7.31 和 8.66，差值为 1.35。核型的随体数目和位置不同以及同源染色体的杂合性是该种种内变异的主要特征。

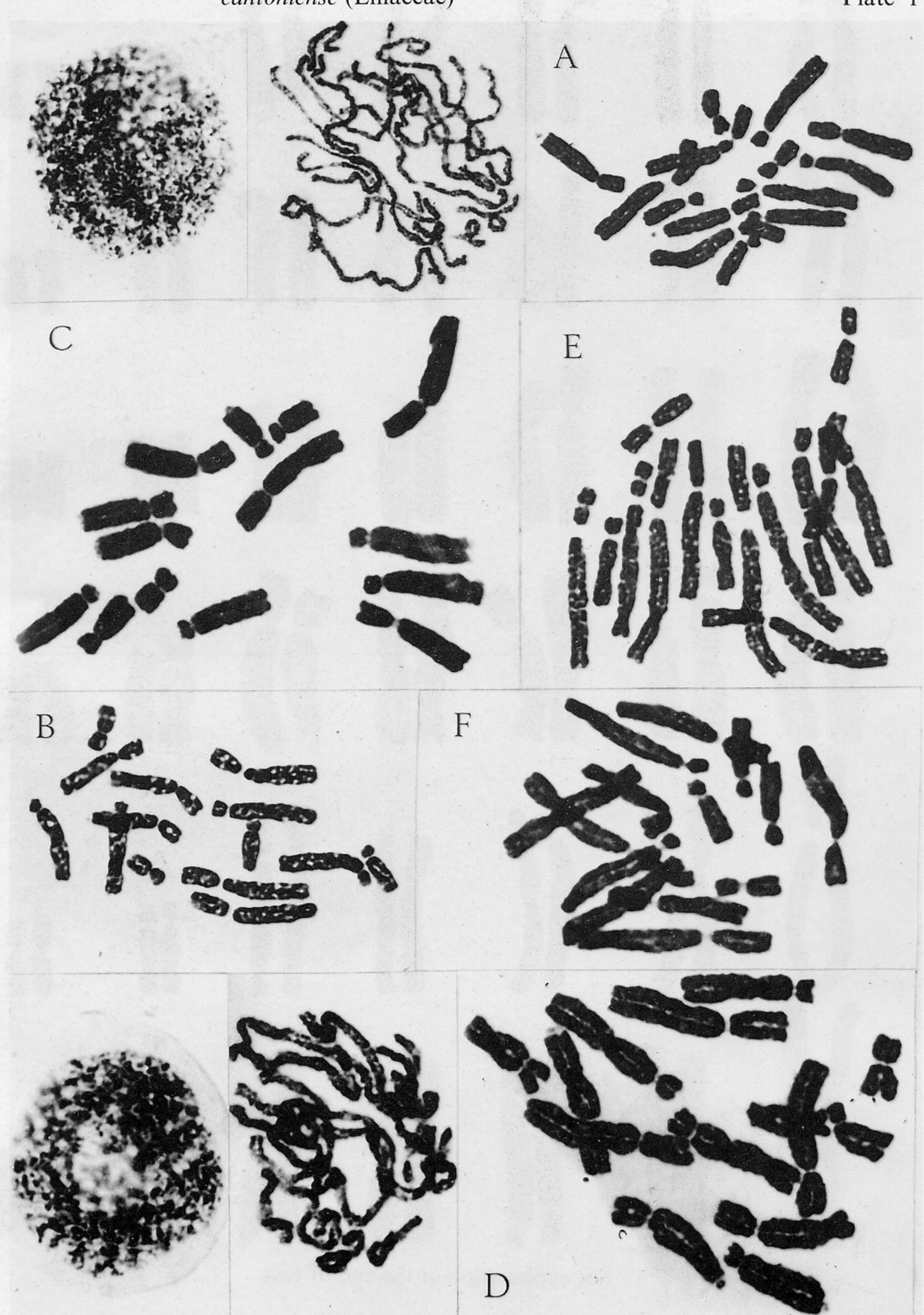
从六个居群的核型整体来看，核型不对称性均属 3B 型，但丽江材料的核型比较整齐，同源染色体没有杂合现象。云南中部的昆明、富民、蒿明的材料有 1 — 3 对同源染色体表现出杂合，而东南部文山材料的核型出现 4 对同源染色体杂合，以致核型较为不整齐。从结果来看，该种分布于云南西北部的核型较分布于东南部的核型整齐。

参 考 文 献

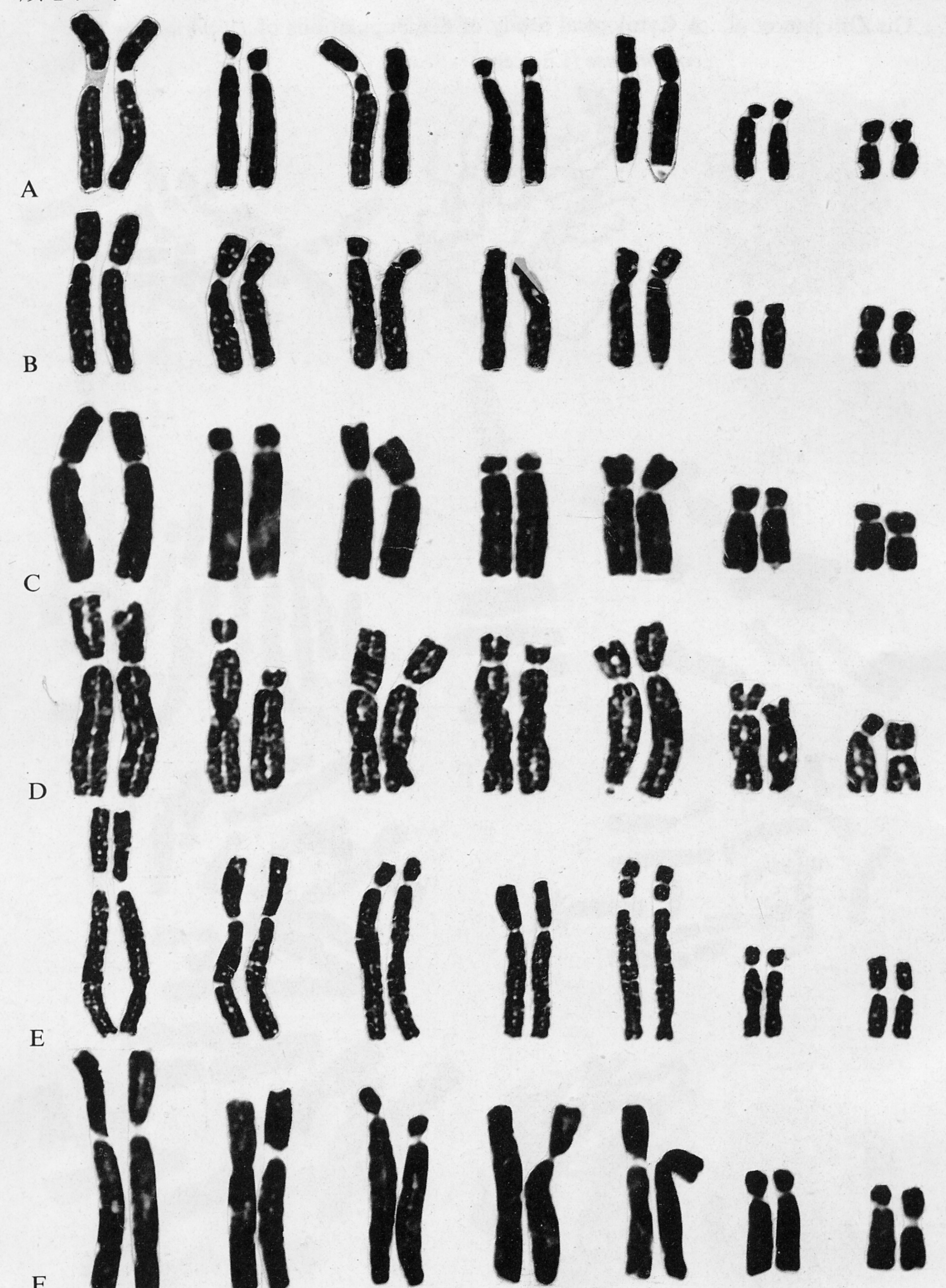
[1] 汪发缵，唐 进(编辑)，1978—1980：中国植物志，第15卷。科学出版社，北京。
[2] 汤彦承，向秋云等，1984：四川及其邻近地区一些植物的细胞学研究(一)。植物分类学报，**22** (5)：343—350。
[3] 洪德元、朱相云，1990：黄精族4属6种的核型研究。植物分类学报，**28** (3)：185—198。
[4] 袁永明，1989：着丝点横裂和着丝粒合并及其在高等植物染色体进化中的意义，广西植物，**9** (1)：67—75。
[5] Chao, C. Y., Chuang T. I. and Hu, W. W. 1963: A cytotaxonomic study of the Disporum of Taiwain. *Bot. Bull. Academia Sinica* n. s. **4**: 80—89.
[6] Chang, H. J. and Hsu, C. C. 1974: A cytotaxonomic study on some Formosan Liliaceae. *Taiwania* 19 (1): 58—74.
[7] Chuang, T. I., et al. 1962: Chromosome numhers of the vascular plants of Taiwan. *Taiwania* **8**: 29—44.
[8] Hsu, C. C., 1971: Preliminary chromosome studies on the vasculat plants of Taiwan (IV), Counts and some systematic notes on some monotyledons. *Taiwania* **16**: 123—136.
[9] ——, 1971: Preliminary chromosome studies on the vascular plants of Taiwain (V), Cytotaxonomy on some monotyledons. *Taiwania* **17**: 48—65.
[10] Hasegawa, N., 1932: Comparison of chromosome type in Disporum. *Cytologia* 3: 350—368.
[11] Kurosawa, S., 1966: Cytological studies on some eastern Himalayan plants. in Hara, H. (ed) Flora of eastern Himalaya. University of Tokyo Press, Tokyo. 658—670.
[12] —— 1971: Cytological studies on some eastern Himalayan plants and their related species. in Hara, H. (ed). Flora of eastern Himalaya 2d, report. University of Tokyo Press, Tokyo. 354—364.
[13] Mehra, P. N. and Parhania, R. S., 1960: A cytotaxonomic study of west Himalayan Polygonateae. *Cytologia* **25** (2): 179—194.
[14] —— P. N., and Sachdeva, S. K., 1976a: Cytology of some W. Himalayan species of Polygonatum and Disporum. *Cytologia* **41** (3—4): 573—578.
[15] Stebbins, G. L., 1971: Chromosome Evolution in High Plants. Edward Arnold. Lit. London. pp.216.
[16] Tanaka, R., 1971: Type of resting nuclei in Orchidaceae. *Bot. Mag. Tokyo* **84**: 118—122.
[17] —— 1977: Recent karyotype studies. In K. Ogawa et al. (Eds.), Plant cytology. Asakura Shoten, Tokyo (in Japan). PP. 293—326.

图版说明 Explanation of plates

Plate 1—2 Somatic chromosome and karyotype of Six populations of Disporum cantoniense (Lour.) Merr.
A: Population from Kunming; B: Population from Fuming; C: Population from Songming
D: Population from Wenshan; E: Population from Lijiang; F: Population from Dali



see explanation at the end of text



See explanation at the end of text